

FIGURE 1A

ATGGGTTCCATGCGTCTATT 20
M G S M R L L

----- prx9+ ----->
AGTAGTGGCATTGTTGTGTGCATTTGCTATGCATGCAGGTTTTTCAGTCTCTTATGCTCA 80
V V A L L C A F A M H A G F S V S Y A Q 1
signal sequence

GCTTACTCCTACGTTCTACAGAGAAACATGTCCAAATCTGTTCCCTATTGTGTTTGGAGT 140
L T P T F Y R E T C P N L F P I V F G V 21

----- prx12+ ----->
AATCTTCGATGCTTCTTTTACCGATCCCCGAATCGGGGCCAGTCTCATGAGGCTTCATTT 200
I F D A S F T D P R I G A S L M R L H F 41
active site

I <-----
TCATGATTGCTTTGTTCAAG GTTGTGATGGATCAGTTTTGCTGAACAACACTGATACAAT 260
H D C F V Q G C D G S V L L N N T D T I 61

--prx10- --- ----- prx2+ ----->
AGAAAGCGAGCAAGATGCACTTCCAAATATCAACTCAATAAGAGGATTGGACGTTGTCAA 320
E S E Q D A L P N I N S I R G L D V V N 81

TGACATCAAGACAGCGGTGGAAAATAGTTGTCCAGACACAGTTTCTTGTGCTGATATTCT 380
D I K T A V E N S C P D T V S C A D I L 101

II
TGCTATTGCAGCTGAAATAGCTTCTGTTCTG GGAGGAGGTCCAGGATGGCCAGTTCCATT 440
A I A A E I A S V L G G G P G W P V P L 121

AGGAAGAAGGGACAGCTTAACAGCAAACCGAACCCTTGCAAATCAAAACCTTCCAGCACC 500
G R R D S L T A N R T L A N Q N L P A P 141

TTTCTTCAACCTCACTCAACTTAAAGCTTCCTTTGCTGTTCAAGGTCTCAACACCCTTGA 560
F F N L T Q L K A S F A V Q G I N T L D 161

III
TTTAGTTACACTCTCAG GTGGTCATACGTTTGGAGAGCTCGGTGCAGTACATTTCATAAA 620
L V T L S G G H T F G R A R C S T F I N 181
heme-binding domain

CCGATTATACAACTTCAGCAACACTGGAAACCCTGATCCAACCTCTGAACACAACATACTT 680
R L Y N F S N T G N P D P T L N T T Y L 201

AGAAGTATTGCGTGCAAGATGCCCCCAGAATGCAACTGGGGATAACCTCACCAATTGGA 740
E V L R A R C P Q N A T G D N L T N L D 221

CCTGAGCACACCTGATCAATTTGACAACAGATACTACTCCAATCTTCTGCAGCTCAATGG 800
L S T P D Q F D N R Y Y S N L L Q L N G 241



FIGURE 1B

CTTACTTCAGAGTGACCAAGAACTTTTCTCCACTCCTGGTGCTGATACCATTTCCATTGT 860
L L Q S D Q E L F S T P G A D T I P I V 261

<----- prx6- -----

CAATAGCTTCAGCAGTAACCAGAATACTTTCTTTTCCAACCTTTAGAGTTTCAATGATAAA 920
N S F S S N Q N T F F S N F R V S M I K 281

AATGCGTAATATTGGAGTGCTGACTGGGGATGAAGGAGAAATTCGCTTGCAATGTAATTT 980
M G N I G V L T G D E G E I R L Q C N F 301

TGTGAATGGAGACTCGTTTGGATTAGCTAGTGTGGCGTCCAAAGATGCTAAACAAAAGCT 1040
V N G D S F G L A S V A S K D A K Q K L 321

TGTTGCTCAATCTAAATAAACCAATAATTAATGGGGATGTGCATGCTAGCTAGCATGTAA 1100
V A Q S K * 326

AGGCAAATTAGGTTGTAAACCTCTTTGCTAGCTATATTGAAATAAACCAAAGGAGTAGTG 1160

TGCATGTCAATTCGATTTTGCCATGTACCTCTTGGAATATTATGTAATAATTATTTGAAT 1220

CTCTTTAAGGTACTTAATTAATC (A) n



FIGURE 2A

	10	20	30	40	50	60
1	GCATCATATCATAAACAATACGTACGTGATATTATCTAGTGTCTCTCAGTTTACTTTATG					
61	AGAAATTATTTTTCTTTAAAAAAAGTTAATTAATAAAAACATTTGCGATACCGTGAGTTA					
121	CAAGAAATCCGCCGAATTCATCTCTATAAATAAAAGGATCTATATGAGAGGTAAAATCAT					
181	ATTAAC TCAAAATGGGTTCCATGCGTCTATTAGTAGTGGCATTGTTGTGTGCATTTGCTA					
241	TGCATGCAGGTTTTTCAGTCTCTTATGCTCAGCTTACTCCTACGTTCTACAGAGAAACAT					
301	GTCCAAATCTGTTCCCTATTGTGTTTGGAGTAATCTTCGATGCTTCTTTCACCGATCCCC					
361	GAATCGGGGCCAGTCTCATGAGGCTTCATTTTCATGATTGCTTTGTTCAAGTACGTACTT					
421	TTTTTTTTTCCTTCCAAAATGCCCTGCATATTTAACAAGATTGCTTTGTTACCTAGAAAA					
481	ATGTGTTTTTTTTCAACGATCTTACGTACGTTTGTGTTGGTTTGAAAAATAAATCAGAAAGA					
541	GATCAAGAAAAATAGCTAGAAAGAAAGCAACGTTTTTTTTTAAAGGTATTTAGTGTGAGAAA					
601	AATATTA AAACTGAAGAGAAAGAAATTAATAAGCTTTTCTTGAATGATATTTACATGTC					
661	TTATTAAC TTAAGTCACCTTTTTTCTTTAAGTTGTGCTTGAAGAAAAAAGATGTCCTTTC					
721	AGTTTAGTTTTTGATTAATGCTAATTATATTTTTTAATTAATTAATACTATATATCTA					
781	TTTACCATATTAATTATTACTATATTTTCATGATGACAACAGACAAGTATTCTAAAGAGGT					
841	ATCGGTAGATGATTAATTTTTTTTATAAAAAAATCTTTTGCCTGTATAGATATTTCTTTTAT					
901	AATTGGTGCAGAACTTGTAATGCTAATTGCAATTAATCTTACATTGATTAAC TAATAGC					
961	TATAATCAATATTTAGGTTAGGTATAGGAGACAAATCAAGTGATCTGAACAAATTAAGTT					
1021	GTTATATTTGCATTGTGACAGGGTTGTFGATGGATCAGTTTGTGCTGAACAACACTGATACA					
1081	ATAGAAAGCGAGCAAGATGCACTTCCAAATATCAACTCAATAAGAGGATTGGACGTTGTC					
1141	AATGACATCAAGACAGCGGTGGAATAAGTTGTCCAGACACAGTTTCTTGTGCTGATATT					
1201	CTTGCTATTGCAGCTGAAATAGCTTCTGTTCTGGTAATTAATAACTCCTAATTAATTCCC					
1261	AACCATTAAAAAGTTGCATGATTGGATTCAAATTTCTATGGTATTGGGGTTCTGATATAA					
1321	ATTTGTAATTA AATTGCACTAAAAAAATTAATCATATACTTTTAATAAAAAAAATTTATC					
1381	TAATTTAATTTATTATTA AAACTATTTTTTAAAATTC AATCCTAACTCTTTTTTAATCGGA					
1441	GCATGTAAGCTGGCACCCACCGTATATCGTTGGAAGATGCTATAAAACCATTTAATTAAT					
1501	GGATGGAATCAGTCAAAACATTTAATTCAAAATACTCTTAATTGTGATTAGTAATCATGT					
1561	TCGGGCAAGTTACGTTGTGTATAATTAATTTGACTTAATCAGATAAAAAAACAAATGGAC					
1621	GCAAGCCGTTGGTATAGATATCACTGGCCTGTAGAATATGTGGTTTTTTCACGTTTAAAT					
1681	AAAAGCTAGCTACTATATTATATTTAGTCTTTTTTTTTTCTTAAACCCATTTAACGTGATT					
1741	TATTGACTGTGAAACATGTTTCCACACACAGGCTTAGAACTCCTCGCAACTAACATCTC					
1801	CAAAATTTGACTATTTATTTATGAAGATAATTCATCTATGATGTTCAACTCTATTATATA					
1861	TATGTATCATCGCAGTATTAAGAATTATAATAGTCAAATATAGAAGTATATCGGGTAAAT					
1921	GTAGTTGCATGTGCGACCTGTTTCGTGTAAAATGCTTATTCTATATAGCTTTTTTTTATTG					
1981	GAAAATAACGATGAACTAAAAACGAAAGGGTATCATATAGTTTGACTTTTATGTTAGAGA					
2041	GAGACATCTTAATTTGGTCATATGTTAAATAATTAATTACAATGCATACACAAATATTTA					
2101	TGCCATATCTAAAAAATGATAAAATATCATAGGTATACTCAACTATATGATATCCCCATA					
2161	ACAGAAATTTGACTTTTCTTCAGGCAATGAACTTAACATTTCTGTTTGCTAAAAACAAAC					
2221	ATCCACTTAAAGTGTTCAACATATTTATGTAATAATTTACAGGGAGGAGGTCCAGGATG					

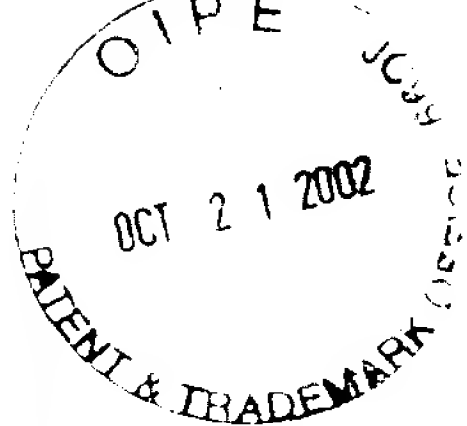


FIGURE 2B

2281 GCCAGTTCCATTAGGAAGAAGGGACAGCTTAACAGCAAACCGAACCCTTGCAAATCAAAA
2341 CCTTCCAGCACCTTTCTTCAACCTCACTCAACTTAAAGCTTCCTTTGCTGTTCAAGGTCT
2401 CAACACCCTTGATTTAGTTACACTCTCAGGTATACATAATCAATTTTTTATTGCTATTA
2461 GCTAGCAATAAAAAGTCTCTGATACAGACATATTTAGATAAATTAATTTCTCCATAAACA
2521 TTTATAATAAAATTATCAATTTATGTACTTAAAAATTATGGATTGAAGCTCTTTTCATCC
2581 AACTTTTACTAAAGTTAAGGTGCATATAATATAAAATAAACTATCTCTTGTTTCTTATAA
2641 AAAGATTGAAGATAAGTTAAAGTCTACTTATAAATCATTAATATATGTATAGGTGGTCAT
2701 ACGTTTGGAAGAGCTCGGTGCAGTACATTATAAACCATTATACAACTTCAGCAACACT
2761 GGAAACCCTGATCCAACCTCTGAACACAACATACTTAGAAGTATTGCGTGCAAGATGCCCC
2821 CAGAATGCAACTGGGGATAACCTCACCAATTTGGACCTGAGCACACCTGATCAATTTGAC
2881 AACAGATACTACTCCAATCTTCTGCAGCTCAATGGCTTACTTCAGAGTGACCAAGAAGTT
2941 TTCTCCACTCCTGGTGCTGATACCATTTCCCATTTGTCAATAGCTTCAGCAGTAACCAGAAT
3001 ACTTTCTTTTCCAACCTTTAGAGTTTCAATGATAAAAATGGGTAATATTGGAGTGCTGACT
3061 GGGGATGAAGGAGAAA'TTCGCTTGCAATGTAATTTTGTGAATGGAGACTCGTTTGGATTA
3121 GCTAGTGTGGCGTCCAAAGATGCTAAACAAAAGCTTGTTGCTCAATCTAAATAAACCAAT
3181 AATTAATGGGGATGTGCATGCTAGCTAGCATGTAAAGGCAAATTAGGTTGTAAACCTCTT
3241 TGCTAGCTATATTGAAATAAACCAAAGGAGTAGTGTGCATGTCAATTCGATTTTGCCATG
3301 TACCTCTTGGAATATTATGTAATAAT'TATTTGAATCTCT'FTAAGGTACTTAATTAATCA

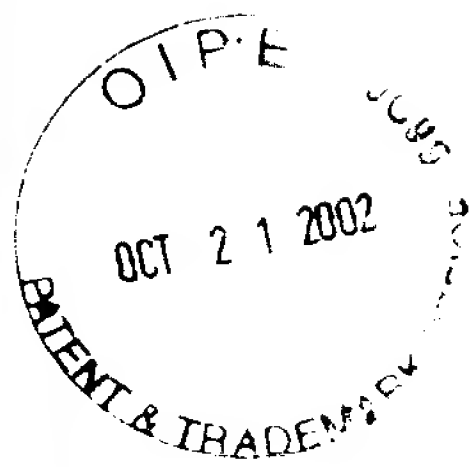


FIGURE 3A-(1)

L78163	-----ATGGGTTCCATGCGT-CTATTAGTAGTGGCATTGTTG	36
U41657	-----	0
X90693	G----GCAAA-CAATGAACTCCCTTCGTGCTGTAGCAATAG-CTTTGTGC	44
X90694	GCTCTTCAAAACAATGAACTCC-----TTAGCAACTT-CTATGTGG	40
L36156	-----CTCC-----TTAGCAACTT-CTATGTGG	22
X90692	-----AATGCTTGGT-----CTAAGTGCAACAGCTTTTGTGTATGG	38
L78163	TGT-----GCATTT-GCTATGCATGCAGGTTTTTCAGT---CTCTTATGC	77
U41657	-----	0
X90693	TGTATTGTG-----GTTGTGCTTGGAGGGTTACCCTTCTCTTCAAATGC	88
X90694	TGTGTTGTGCTTTTAGTTGTGCTTGGAGGACTACCCTTTTCCTCAGATGC	90
L36156	TGTGTTGTGCTTTTAGTTGTGCTTGGAGGACTACCCTTTTCCTCAGATGC	72
X90692	TGT-TTGTGCTAAT-----TGGAGGAGTACCCTTTT---CAAATGC	75
L78163	TCAGCTTACTCCTACGTTCTACAGAGAAACATGTCCAAATCTGTTCCCTA	127
U41657	-----	0
X90693	GCAACTTGATCCATCCTTTTACAGGAACACTTGTCCAAATGTTAGTTCCA	138
X90694	ACAACCTAGTCCCACCTTTTACAGCAAAACGTGTCCAACTGTTAGTTCCA	140
L36156	ACAACCTAGTCCCACCTTTTACAGCAAAACGTGTCCAACTGTTAGTTCCA	122
X90692	ACAACCTAGATCCTTCATTTTACAACAGTACATGTTCTAATCTTGATTCAA	125
L78163	TTGTGTTTGGAGTAATCTTCGATGCTTCTTTCACCGATCCCCGAATCGGG	177
U41657	-----	0
X90693	TTGTTTCGTGAAGTCATAAGGAGTGTTTCTAAGAAAGATCCTCGTATGCTT	188
X90694	TTGTTAGCAATGTCTTAACAAACGTTTCTAAGACAGATCCTCGCATGCTT	190
L36156	TTGTTAGCAATGTCTTAACAAACGTTTCTAAGACAGATCCTCGCATGCTT	172
X90692	TCGTACGTGGTGTGCTCACAAATGTTTCACAATCTGATCCCAGAATGCTT	175
L78163	GCCAGTCTCATGAGGCTTCATTTTCATGATTGCTTTGTTCAAGGTTGTGA	227
U41657	-----TTTCATGATTGCTTTGTTCAAGGTTGTGA	29
X90693	GCTAGTCTTGTGAGGCTTCACTTTTCATGACTGTTTTGTTCAAGGTTGTGA	238
X90694	GCTAGTCTCGTCAGGCTTCACTTTTCATGACTGTTTTGTTCTGGGATGTGA	240
L36156	GCTAGTCTCGTCAGGCTTCACTTTTCATGACTGTTTTGTTCTGGGATGTGA	222
X90692	GGTAGTCTCATCAGGCTACATTTTCATGACTGTTTTGTTCAAGGTTGCGA	225
***** ** *****		
L78163	TGGATCAGTTTTGCTGAACAACACTGATACAATAGAAAGCGAGCAAGATG	277
U41657	TGGATCAGTTTTACTGAACAACACTGATACAATAGAAAGCGAGCAAGATG	79
X90693	TGCATCAGTTTTACTAAACAAACTGATACCGTTGTGAGTGAACAAGATG	288
X90694	TGCCTCAGTTTTGCTGAACAATACTGCTACAATCGTAAGCGAACAACAAG	290
L36156	TGCCTCAGTTTTGCTGAACAATACTGCTACAATCGTAAGCGAACAACAAG	272
X90692	TGCCTCGATTTTTGCTGAACGATACGGCTACAATAGTGAGCGAGCAAAGTG	275
** **		
L78163	CACTTCCAAATATCAACTCAATAAGAGGATTGGACGTTGTCAATGACATC	327
U41657	CACTTCCAAATATCAACTCAATAAGAGGATTGGACGTTGTCAATGACATC	129
X90693	CTTTTCCAAACAGAACTCATTAAGAGGTTTGGATGTTGTGAATCAAATC	338
X90694	CTTTTCCAAATAACAACCTCTCTAAGAGGTTTGGATGTTGTGAATCAGATC	340
L36156	CTTTTCCAAATAACAACCTCTCTAAGGGGTTTGGATGTTGTGAATCAGATC	322
X90692	CACCACCAAATAACAACCTCCATAAGAGGTTTGGATGTGATAAACCAGATC	325
*		

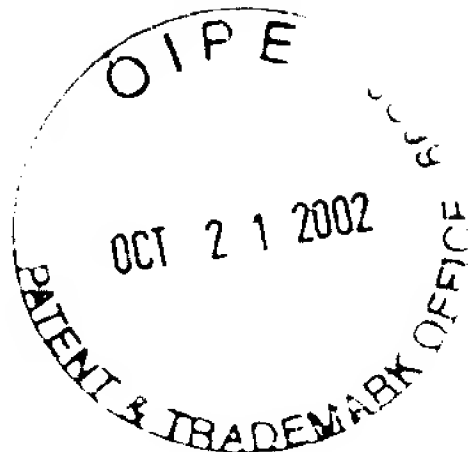


FIGURE 3A- (2)

L78163	AAGACAGCGGTGGAAAATAGTTGTCCAGACACAGTTTCTTGTGCTGATAT	377
U41657	AAGACAGCGGTGGAAAATAGTTGTCCAGACACAGTTTCTTGTGCTGATAT	179
X90693	AAAACAGCTGTGGAAAAGGCTTGTCTAACACAGTTTCTTGTGCTGATAT	388
X90694	AAACTGGCTGTAGAAGTGCCTTGTCTAACACAGTTTCTTGTGCTGATAT	390
L36156	AAACTGCTGTAGAAAGTGCCTTGTCTAACACAGTTTCTTGTGCTGATAT	372
X90692	AAAACAGCGGTGGAAAATGCTTGTCTAACACAGTTTCTTGTGCTGATAT	375
	*** . *** . *** . *** . . . ***** . ***** . ***** .	
L78163	TCTTGCTATTGCAGCTGAAATAGCTTCTGTT-CTGGGAGGAGGTCCAGGA	426
U41657	TCTTGCTATTGCAGCTGAAATAGCTTCTGTTGCTGGGAGGAGGTC-AGGA	228
X90693	TCTTGCTCTTTCTGCTGAATTATCATCTACA-CTGGCAGATGGTCCTGAC	437
X90694	TCTTGCACTTGCTGCTCAAGCATCCTCTGTT-CTGGCACAAGGTCCTAGT	439
L36156	TCTTGCACTTGCT--CAAGCATCCTCTGTT-CTGGCACAAGGTCCTAGT	418
X90692	TCTTGCTCTTTCTGCTGAAATATCATCTGAT-CTGGCAAATGGTCCTACT	424
	***** . *** . * . * . * . * . * . * . * . * . * . * .	
L78163	TGGCCAGTTCCATTAGGAAGAAGGGACAGCTTAACAGCAAACCGAACCCCT	476
U41657	TGGCCAGTTCCATTAGGAAGAAGGGACAGCTTAACAGCAAACCGAACCCCT	278
X90693	TGGAAGGTTCCTTTAGGAAGAAGAGATGGTTTAACGGCAAACCGAGTTACT	487
X90694	TGGACGGTTCCTTTAGGAAGAAGGGATGGTTTAACCGCAAACCGAACACT	489
L36156	TGGACGGTTCCTTTAGGAAGAAGGGATGGTTTAACCGCAAACCGAACACT	468
X90692	TGGCAAGTTCCATTAGGAAGAAGGGATAGTTTGACAGCAAATAATTCCCT	474
	*** . ***** . ***** . *** . * . * . * . * . * . * . * .	
L78163	TGCAAATCAAAACCTTCCAGCACCTTTCTTCAA--CCTCA-CTCAACTTA	523
U41657	TGCAAATCAAAACCTTCCAGCACCTTTCTTCAA--CCTCA-CTCAACTTA	325
X90693	TGCTAATCAAAATCTTCCAGCTCC--TTTCAATACTACTGATCAACTTA	534
X90694	TGCAAATCAAAATCTTCCGGCTCC--ATTCAATTCTTGGATCAACTTA	536
L36156	TGCAAATCAAAATCTTCCGGCTCC--ATTCAATTCTTGGATCACCTTA	515
X90692	TGCAGCTCAAAATCTTCTGCCCCCACTTTCAA--CCTTA-CTCGACTAA	521
	*** . ***** . ***** . *** . * . * . * . * . * . * . * .	
L78163	AAGCTTCCTTTG-CTGTTCAAGGTCTCAACACCCTTGATTTAGTTACACT	572
U41657	AAGCTTCCTTTG-CTGTTCAAGGTCTCAACACCCTTGATTTAGTTACACT	374
X90693	AAGCTGCATTTG-CTGCTCAAGGTCTCGATACTACTGATCTGGTTGCACT	583
X90694	AAGCTGCATTT-CTGCTCAAGGCTCAATACTACTGATCTAGTTGCACT	585
L36156	AA-CTGCATTTGACTGCTCAAGGCTCATTACTCCTGTTCTAGTTGCCCT	564
X90692	AATCTAACTTTGA-TAATCAAAACCTCAGTACTACTGATCTAGTTGCACT	570
	** ** . *** . * . ***** . ***** . * . * . * . * . * . * .	
L78163	CTCAGGTGGTCATACGTTTGGGAAGAGCTCGGTGCAGTACATTCATAAACC	622
U41657	CTCAGGTGGTCATACGTTTGGGAAGAGCTCGGTGCAGTACATTCATAAACC	424
X90693	CTCCGGTGCTCATAATTTGGGAAGAGCTCATTGCTCTTTATTTGTTAGCC	633
X90694	CTCGGGTGCTCATAATTTGGGAAGAGCTCATTGCGCACAATTTGTTAGTC	635
L36156	CTCGGGTGCTCATAATTTGGGAAGAGCTCATTGCGCACAATTTGTTAGTC	614
X90692	CTCAGGTGGCCATACAATTGGAAGAGGTCAATGCAGATTTTTCGTTGATC	620
	*** ***** . ***** . ***** . * . * . * . * . * . * .	
L78163	GATTATACAACTTCAGCAACACTGGAAACCCTGATCCAACCTCTGAACACA	672
U41657	GATTATACAACTTCAGCAACACTGGA---CTGATCCA-CT-TGGACACA	468
X90693	GATTGTACAACTTCAGCGGTACGGGAAGTCCCGATCCAACCTCTTAACACA	683
X90694	GATTGTACAACTTCAGCAGTACTGGAAGTCCCGATCCAACCTCTTAACACA	685
L36156	GATTGTACAACTTCAGCAGTACTGGAAGTCCCGATCCAACCTCTTAACACA	664
X90692	GATTATACAATTTAGCAACACTGGAAACCCCGATTCAACCTCTTAACACG	670
	***** . ***** . ***** . * . * . * . * . * . * . * .	



FIGURE 3A-(3)

L78163	ACATACTTAGAAGTATTGCGTGCAAGATGCCCCCAGAATGCAACTGGGGA	722
U41657	ACATACTTAGAAGTATTGCGTGCAAGATGCCCCCAGAATGCAACTGGGGA	518
X90693	ACTTACTTACAACAATTGCGCACAATATGTCCCAATGGTGGACCTGGCAC	733
X90694	ACTTACTTACAACAATTGCGCACAATATGTCCCAATGGTGGACCTGGCAC	735
L36156	ACTTACTTACAACAATTGCGCACAATATGTCCCAATGGTGGACCTGGCAC	714
X90692	ACCTATTTACAAACATTGCAAGCAATATGTCCCAATGGTGGACCTGGTAC	720
	*** ** *	
L78163	TAACCTCACCAATTTGGACCTGAGCACACCTGATCAATTTGACAACAGAT	772
U41657	TAACCTCACCAATTTGGACCTGAGCACACCTGATCAATTTGACAACAGAT	568
X90693	GAACCTTACCAATTTTCGATCCAACGACTCCTGATAAATTTGACAAGAAGT	783
X90694	AAACCTTACCAATTTTCGATCCAACGACTCCTGATAAATTTGACAAGAAGT	785
L36156	AAACCTTACCAATTTTCGATCCAACGACTCCTGATAAATTTGACAAGAAGT	764
X90692	AAACCTAACCGATTTGGACCCAACCACACCAGATACATTTGACTCCAAGT	770
	.***** ** *	
L78163	ACTACTCCAATCTTCTGCAGCTCAATGGCTTACTTCAGAGTGACCAAGAA	822
U41657	ACTACTCCAATCTTCTGCAGCTCAATGGCTTACTTCAGAGTGACCAAGAA	618
X90693	ATTACTCTAATCTTCAAGTGAAAAAGGTTTGCTTCAAAGTGATCAAGAG	833
X90694	ATTACTCCAATCTTCAAGTGAAAAAGGTTTGCTTCAAAGTGATCAAGAG	835
L36156	ATTACTCCAATCTTCAAGTGAAAAAGGTTTGCTTCAAAGTGATCAAGAG	814
X90692	ACTACTCCAATCTCCAAGTTGGAAAGGGCTTGTTTCAGAGTGACCAAGAG	820
	* ***** *	
L78163	CTTTTCTCCACTCCTGGTGCTGATACCATTCCCATTGTCAATAGCTTCAG	872
U41657	CGTTTCTCCACTCCTGGTGCTGATACCATTCC-ATTGTCAATAGCTTCAG	667
X90693	TTGTTCTCAACATCTGGTTCAGATACCATTAGCATTGTCAACAAATTCGC	883
X90694	TTGTTCTCAACTTCTGGTGCTGATACCATTAGCATTGTCAACAAATTCAG	885
L36156	TTGTTCTCAACTTCTGGTGCTGATACCATTAGCATTGTGACAAATTCAG	864
X90692	CTTTTCTCCAGAAATGGTTCTGACACTATTTCTATTGTCAATAGTTTCGC	870
	. ** * . ***** *	
L78163	CAGTAACCAGAATACTTTCTTTTCCAACCTTTAGAGTTTCAATGATAAAAA	922
U41657	CG--AACCAGAATACTTTCTTTTCCAACCTTTAGAGTTTCAATGATAAAAA	715
X90693	AACCGATCAAAAAGCTTTTTTTGAGAGCTTTAGGGCTGCTATGATCAAAA	933
X90694	CACCGATCAAAAAGCTTTTCTTTGAGAGCTTTAAGGCTGCAATGATTAAAA	935
L36156	CACCGATCAAAAAGCTTTTCTTTGAGAGCTTTAAGGCTGCAATGATTAAAA	914
X90692	CAATAATCAAACCTCTCTTCTTTGAAAATTTGTAGCCTCAATGATAAAAA	920
	. * ** * . ** * . * . * . * . * . *	
L78163	TGGGTAATATTGGAGTGCTGACTGGGGATGAAGGAGAAATTCGCTTGCAA	972
U41657	TGGGTAATATTGGAGTGCTGACTGGGGATGAAGGAGAAATTCGCTTGCAA	765
X90693	TGGGAAATATTGGTGTGTTAACCGGGAACCAAGGAGAGATTAGAAAACAA	983
X90694	TGGGCAATATTGGTGTGCTAACAGGGACAAAAGGAGAGATTAGAAAACAA	985
L36156	TGGGCAATATTGGTGTGCTAACAGGGACAAAAGGAGAGATTAGAAAACAA	964
X90692	TGGGTAATATTGGAGTTTAACTGGATCTCAAGGTGAAATTAGAACACAG	970
	**** ***** ** * . * . * . * . * . *	
L78163	TGTAATTTTGTGAA---TGGAGACTCGT-----TTGGATTAGC	1007
U41657	TGTAATTTTGTGAA---TGGAGACTCGT-----TTGGATTAGC	800
X90693	TGCAACTTTGTTAATT-----CAAAATCAGCAGAACTTGGTCTTAT	1024
X90694	TGCAACTTTGTTGAACTTTGTGAACCTCAAATTTCTGCAGAACTAGATTAGC	1035
L36156	TGCAACTT-----TGTGAACCTCAAATTTCTGCAGAACTAGATTAGC	1005
X90692	TG-----TAATGCTGTGAATGGGAATTCTTC-----TGGATTGGC	1005
	** . * . * . *	



FIGURE 3A-(4)

L78163	TAGTGTGGCGTCCAAAGATGCTAAACAAAAGCTTGTTGCTCAATCTAAAT	1057
U41657	TAGTGTGGCGTCCAAAGATGCTAAACAAAAGCTTGTTGCTCAATCTAAAT	850
X90693	CAATGTTGCCTC---AGCAG--ATTCATCTG-AGGAGGGTATGGTTAG--	1066
X90694	CACCATAGCATCCATAGTAG--AATCATTAG-AGGATGGTATTGCTAGTG	1082
L36156	CACCATAGCATCCATAGTAG--AATCATTAG-AGGATGGAATTGCTAGTG	1052
X90692	TACTGTAGTCACCAA---AG--AATCATCAG-AAGATGGAATGGCTAGCT	1049
	* .*. * . * . * . * . * . * . * . * . *	
L78163	AAACCAATAATTAATGGGGATGTGCATGCTAGCTAGCATGTAAAGGCCAAA	1107
U41657	AAACCAATAATTAATGGGGATGTGCATGCTAGCTACGATGTAAAGGCCAAA	900
X90693	-----CTCAATGTAAA-TG-TAG	1082
X90694	TAATATAAATAAATTAG-----CGTAAATGCACTTATTGAA-ATCTTG	1124
L36156	TAATATAAATAAATTAG-----CGAAAATGCACTTATTGAA-ATCTTG	1094
X90692	CATTCTAAAT--ATAAG-----CTTGGAATAATTGAAGAGGTTCTAT	1090
 *	
L78163	TTAGGTTGTAAACCTCTTTGCTAGCTATATTGAAATAAACCAAAGGAGTA	1157
U41657	TTAGGTTG-AAACCTCTTTGCTAGCTATATTGAAATAAACCAAAGGAGTA	949
X90693	T--GATTGGAAGCAACTAA--TAAATTAAGAAGCTATAAC-----T	1119
X90694	T--GACTAGATGCCACTAA--TAAAT---AAGTTATAAC-----T	1157
L36156	T--GACTAGATCCCCTAA--TAAAT---AAGTTATAAC-----T	1127
X90692	A--ATTTTGTGCATACATA--TATGGTATGTG-----	1118
	. . . * . . . * . . . * . . .	
L78163	GTGTGCATGTCAATTCGATTTTGC-CATGTACCTCTTGGAATAT-----	1200
U41657	GTGTGCATGTCAATTCGATTTTGC-CATGTACCTCTTGGAATATTATGTA	998
X90693	ATGCACATT-CATGGTATGTGTGAGATAGTTATTAGATGCTTTGTGAGCA	1168
X90694	AGGCACATTTTCATGTCACTTGAAATTTTCATGCCT-GTATATGAG-----	1200
L36156	AGGCACATTTTCATGTCACTTGAAATCCTATGCCTTGTATATTAGAGGACG	1177
X90692	-----CATGTGGTGTA--TTATGTTTTTGTATGTTCTTCAAGTTGATCA	1161
	** * . . . *	
L78163	-----	1200
U41657	ATAATTATTTGAATCTC-----AAAAAAAAAAAAAAAAAAAA	1031
X90693	AAAATCTTTTGGATTTTCT---ATTTGAAGTGTTTCT---	1200
X90694	-----	1200
L36156	TGT-TCTT-----C-----TTGGTATTATACTA--T	1200
X90692	GGGA-CTGTAGAAGCTCCCTAATAATATTTGTGTCAAAGT	1200



FIGURE 3B

L78163	MGSMRLLVVALLCAFAMHAGFSVSY---AQLTPTFYFETCPNLFPIVEGV	47
U41657	-----	0
X90693	MNSLRAVAIALCCIV--VVLGGLPFSSNAQLDPSFYFNTCPNVSSIVREV	43
X90694	MNSL---ATSMWCVLLVVLGGLPFSSDAQLSPTFYSKTCPTVSSIVSNV	47
L36156	M-----WCVLLVVLGGLPFSSDAQLSPTFYSKTCPTVSSIVSNV	40
X90692	MLGLSATA---FCCMVFLIGGVFES-NAQLDPSFYNSTCSNLDIVRGV	46
L78163	IFDASFTDPPIGASLMRLHEHDCFVQGCDSVLLNNTDTIESEQDALPHI	97
U41657	-----FHDCFVQGCDSVLLNNTDTIESEQDALPHI	31
X90693	IRSVSKKDPRLASLVRLHEHDCFVQGCDSVLLNKTDTVVSEQDAFPNR	98
X90694	LTHVSKTDPRLASLVRLHEHDCFVQGCDSVLLNNTATIVSEQQAFPHN	97
L36156	LTHVSKTDPRLASLVRLHEHDCFVQGCDSVLLNNTATIVSEQQAFPHN	90
X90692	LTHVSQSDPRLGLSLRLHEHDCFVQGCDSVLLNNTATIVSEQSAPPHN	96

L78163	NSIRGLDVVNDIKTAVENSCEFTVSCADILAIAAEIASVLGGGPGWPVPL	147
U41657	NSIRGLDVVNDIKTAVENSCEFTVSCADILAIAAEIASVAGRRSGWPVPL	81
X90693	NSLRGLDVVNQIKTAVEKACPNTVSCADILALSAELSSTLADGPDWKVPL	148
X90694	NSLRGLDVVNQIKLAVEVPCPNTVSCADILALAAQASSVLAQGSPWTVPL	147
L36156	NSLRGLDVVNQIKTAVESACPNTVSCADILALA-QASSVLAQGSPWTVPL	139
X90692	NSIRGLDVVNQIKTAVENACPNTVSCADILALSAEISSDLANGPTWQVPL	146

L78163	GRRDSLTTANRTLANQNLPAFFFNLTQLKASFAVQGLNTLDLVTLSGGHTF	197
U41657	GRRDSLTTANRTLANQNLPAFFFNLTQLKASFAVQGLNTLDLVTLSGGHTS	131
X90693	GRRDGLTTANRTLANQNLPAFFFNLTQLKAAFAAQGLDITDLVALSGAHTF	198
X90694	GRRDGLTTANRTLANQNLPAFFFNLTQLKAAFTAQGLNTDLVALSGAHTF	197
L36156	GRRDGLTTANRTLANQNLPAFFFNLTQLKAAFTAQGLITPVLVALSGAHTF	189
X90692	GRRDSLTTANRTLANQNLPAFFFNLTQLKAAFTAQGLNTDLVALSGGHTI	196

L78163	GRARCSTFINRLYNFSNTGNPDPTLNTTYLEVLFAPCPQATGDNLTNLD	247
U41657	GRARCSTFINRLYNFSNTGLIH--LDTTYLEVLFAPCPQATGDNLTNLD	179
X90693	GRAHCSLFVSRLYNFSNTGSPDPTLNTTYLQQLPTICPNGGPGTNLTNFD	248
X90694	GRAHCAQFVSRLYNFSNTGSPDPTLNTTYLQQLPTICPNGGPGTNLTNFD	247
L36156	GRAHCAQFVSRLYNFSNTGSPDPTLNTTYLQQLPTICPNGGPGTNLTNFD	239
X90692	GRGQCRFFVDRLYNFSNTGNPDPTLNTTYLQQLPTICPNGGPGTNLTDL	246

L78163	LSTPDQFDNRYYSNLLQLNGLLQSDQELFSTPGADTIPIVNSFSSNQNTF	297
U41657	LSTPDQFDNRYYSNLLQLNGLLQSDQERFSTPGADTIPLSIA-SANQNTF	228
X90693	PTTPDKFDKNYYSNLQVKKGLLQSDQELFSTSGSDTISIVNKFATDQKAF	298
X90694	PTTPDKFDKNYYSNLQVKKGLLQSDQELFSTSGADTISIVNKFSTDQNAF	297
L36156	PTTPDKFDKNYYSNLQVKKGLLQSDQELFSTSGADTISIVDKFSTDQNAF	239
X90692	PTTPDTFDSNYYSNLQVKKGLFQSDQELFSRNGSDTISIVNSFANNQTLF	296

L78163	FSNFRVSMIKMGNIGVLTGDEGEIRLQCNFVN-----GDSFGLASVAS-K	341
U41657	FSNFRVSMIKMGNIGVLTGDEGEIRLQCNFVN-----GDSFGLASVAS-K	272
X90693	FESFRAAMIKMGNIGVLTGNQGEIRFQCNFVN---SKSAELGLINVAS-A	344
X90694	FESFKAAMIKMGNIGVLTGTHGEIRFQCNFVN---SNSAELDLATIASIV	347
L36156	FESFKAAMIKMGNIGVLTGTHGEIRFQCNFVN---SNSAELDLATIASIV	336
X90692	FENFVASMIMGNIGVLTGSGGEIRFQCNFVN---GNSSGLATVVT-K	340

L78163	DAKQKLVAQSK	352
U41657	DAKQKLVAQSK	283
X90693	DSSEEGMVSCM	355
X90694	ESLEDGIASVI	358
L36156	ESLEDGIASVI	347
X90692	ESSEDGMAS3F	351

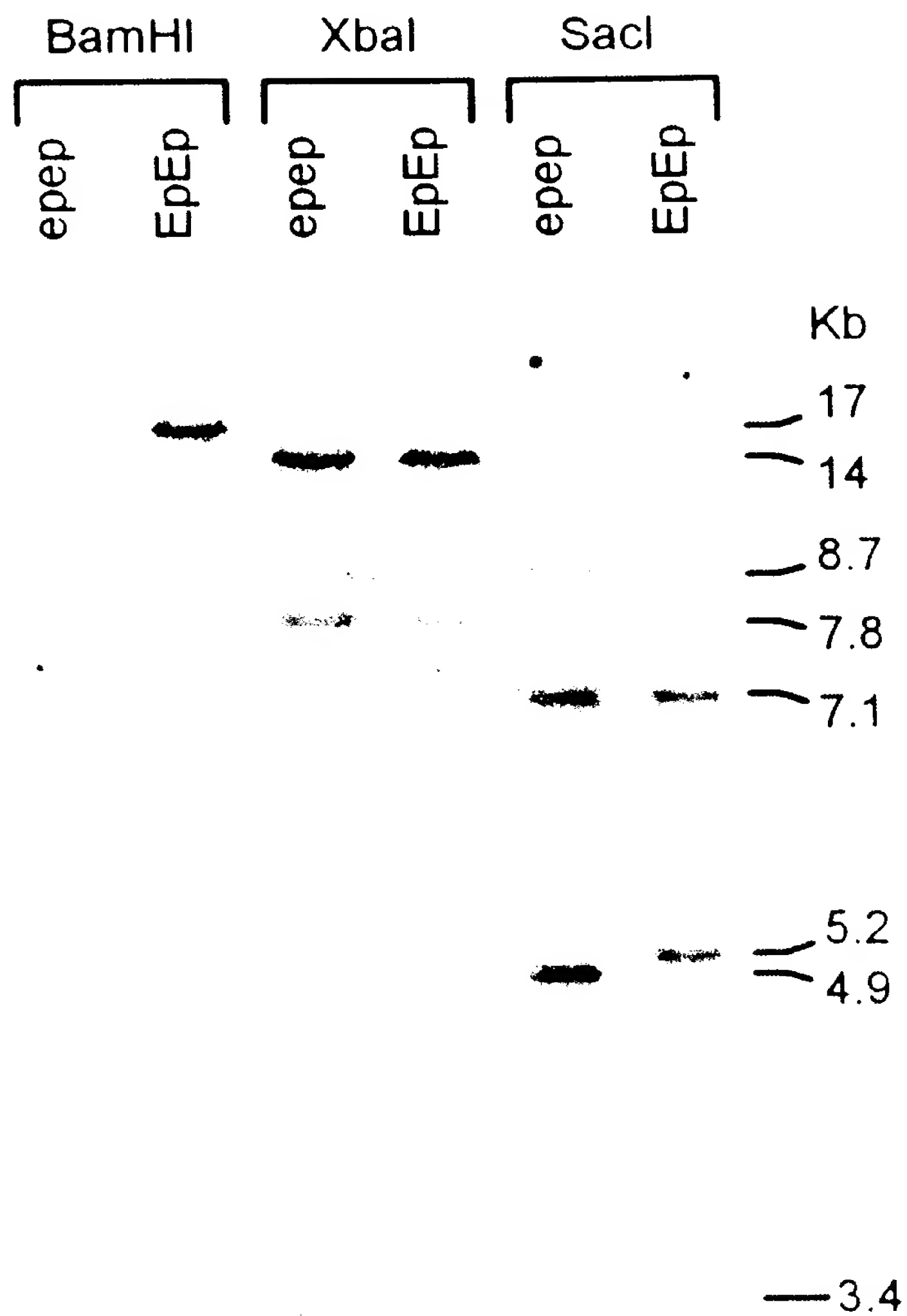


FIGURE 4

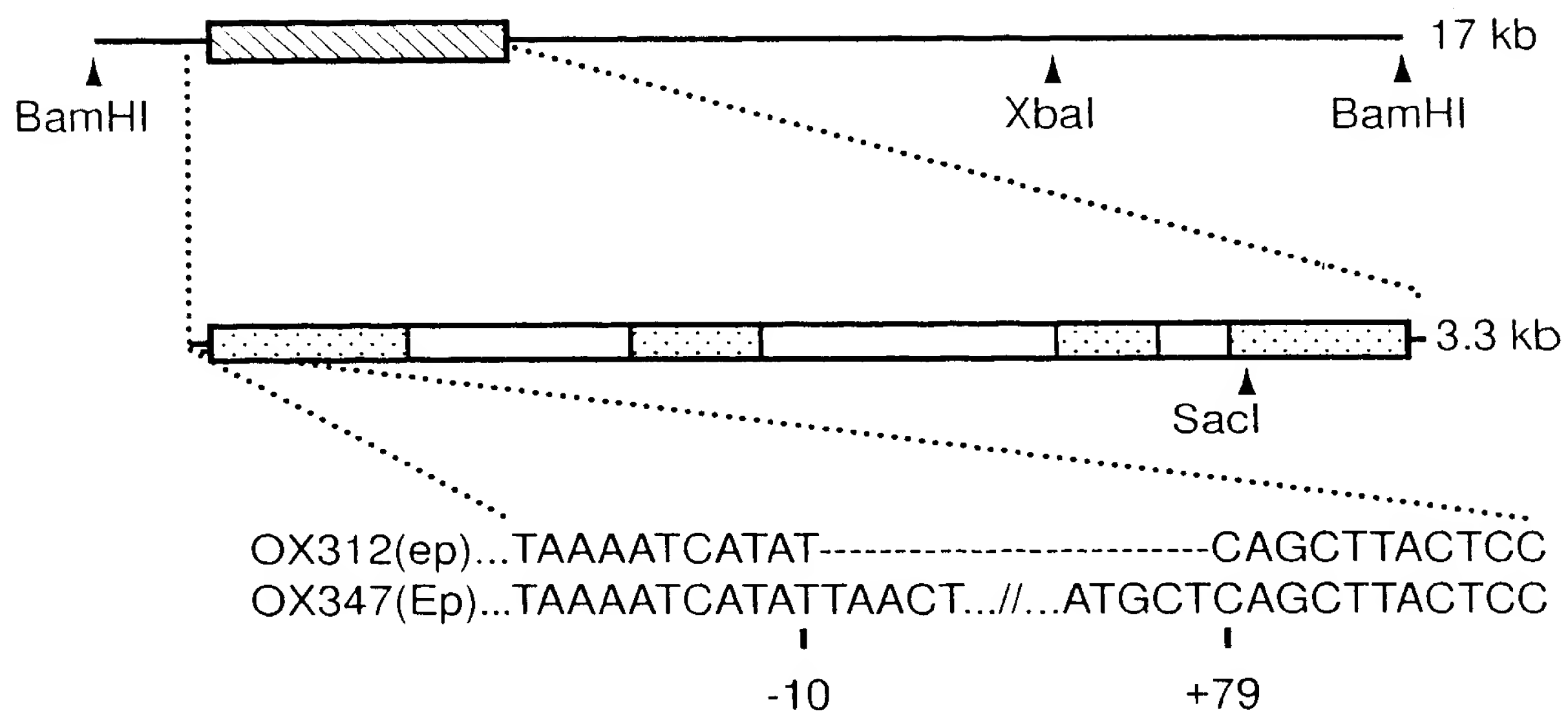


FIGURE 5

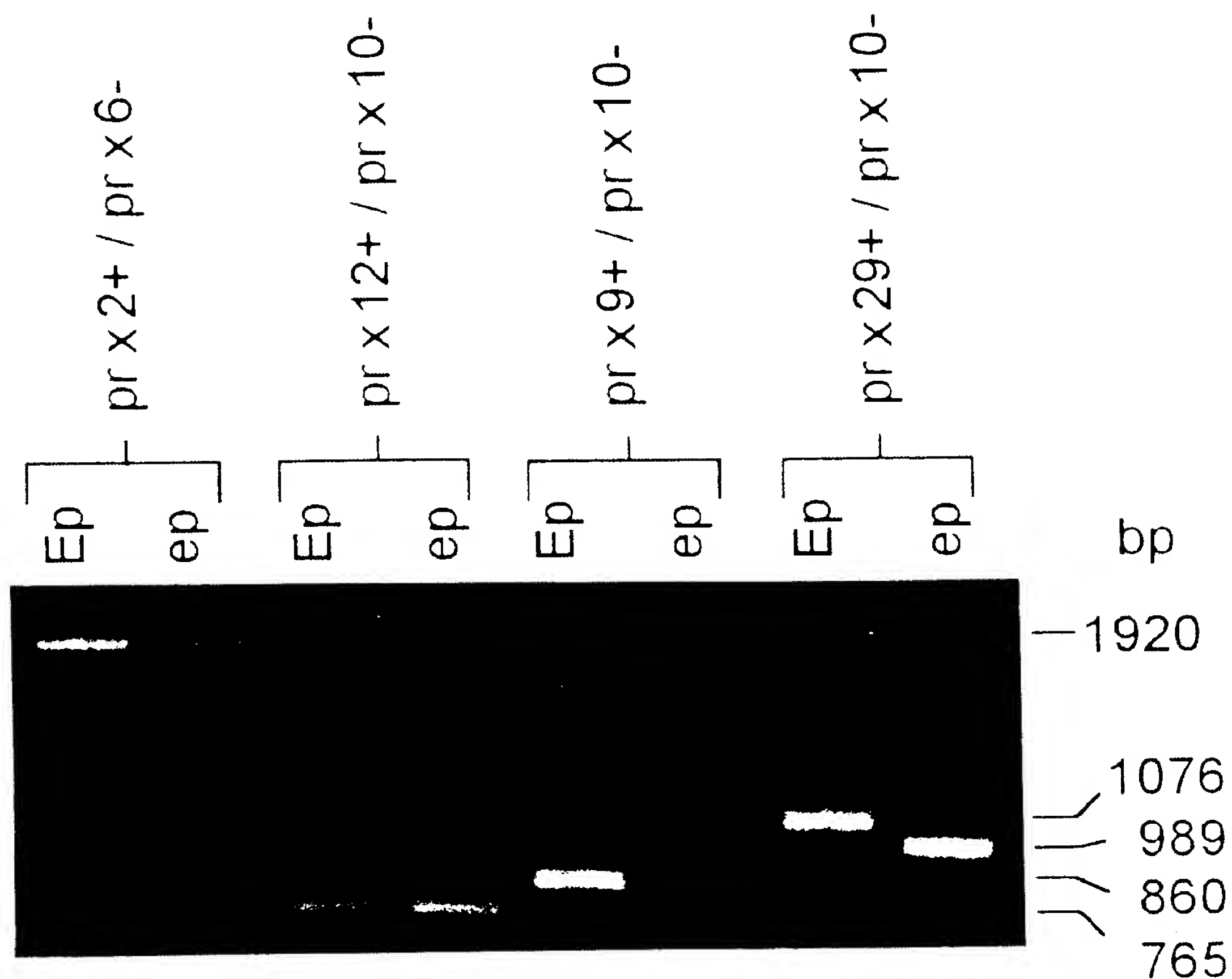


FIGURE 6

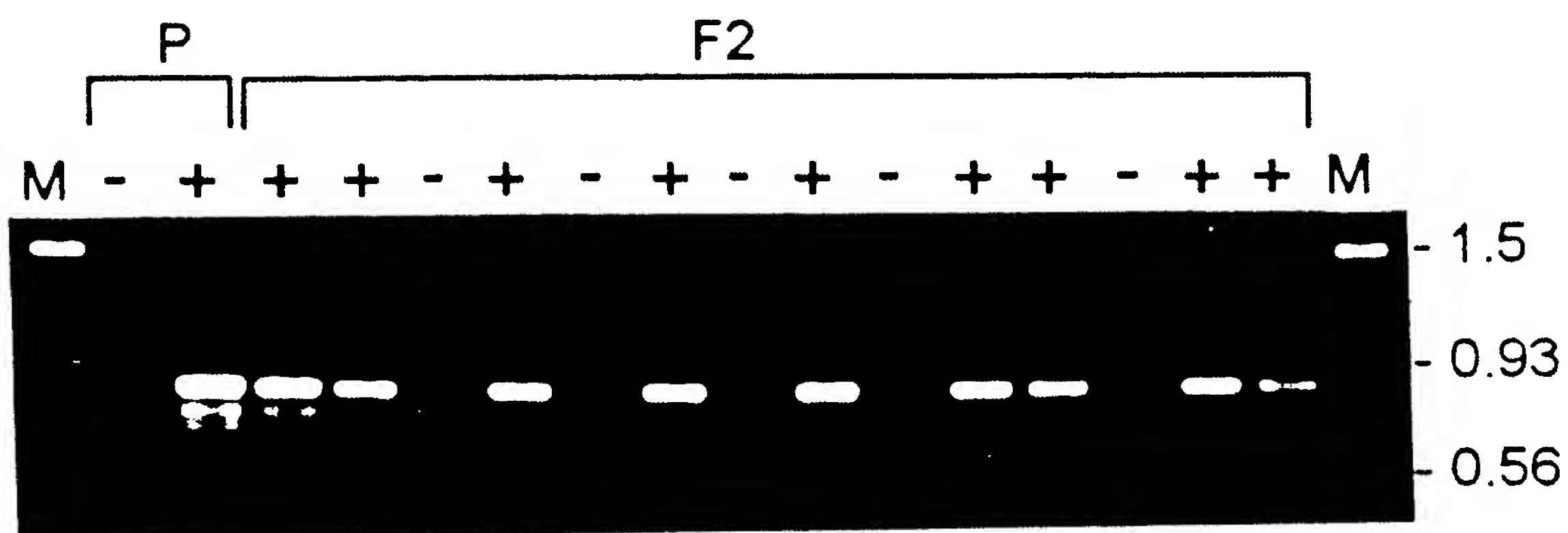


FIGURE 7A

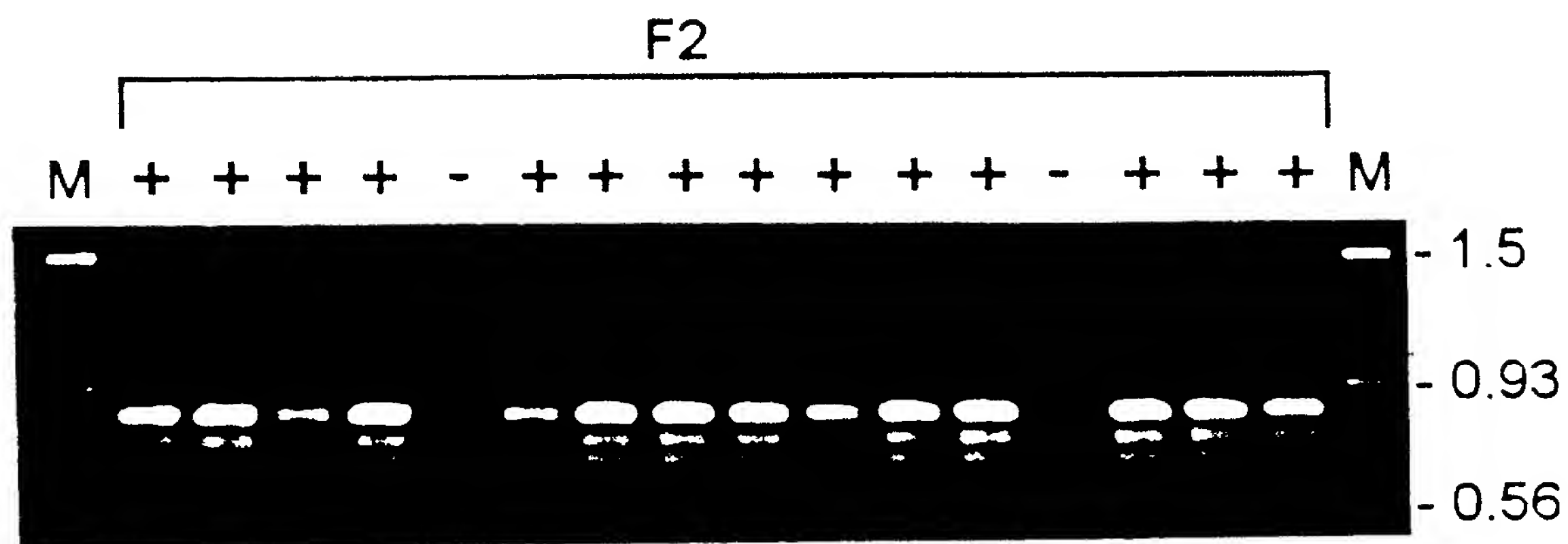


FIGURE 7B

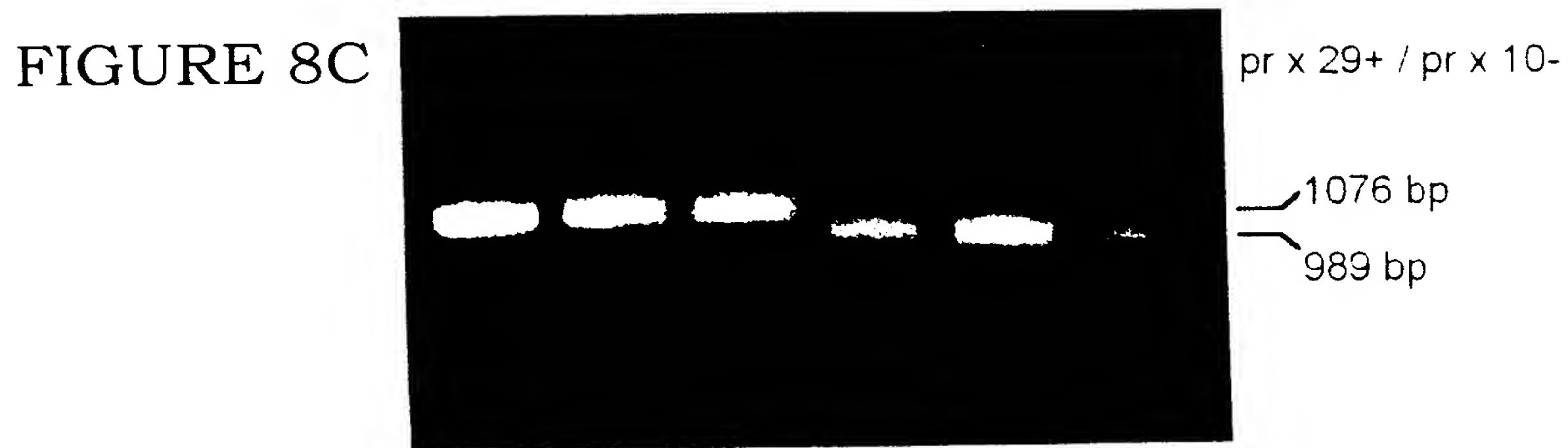
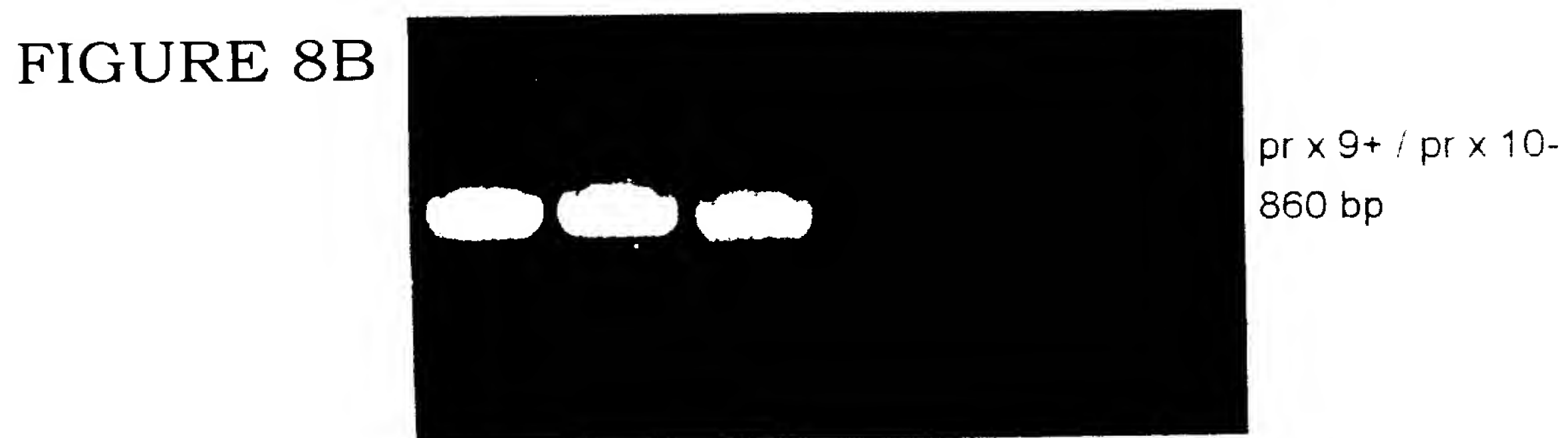
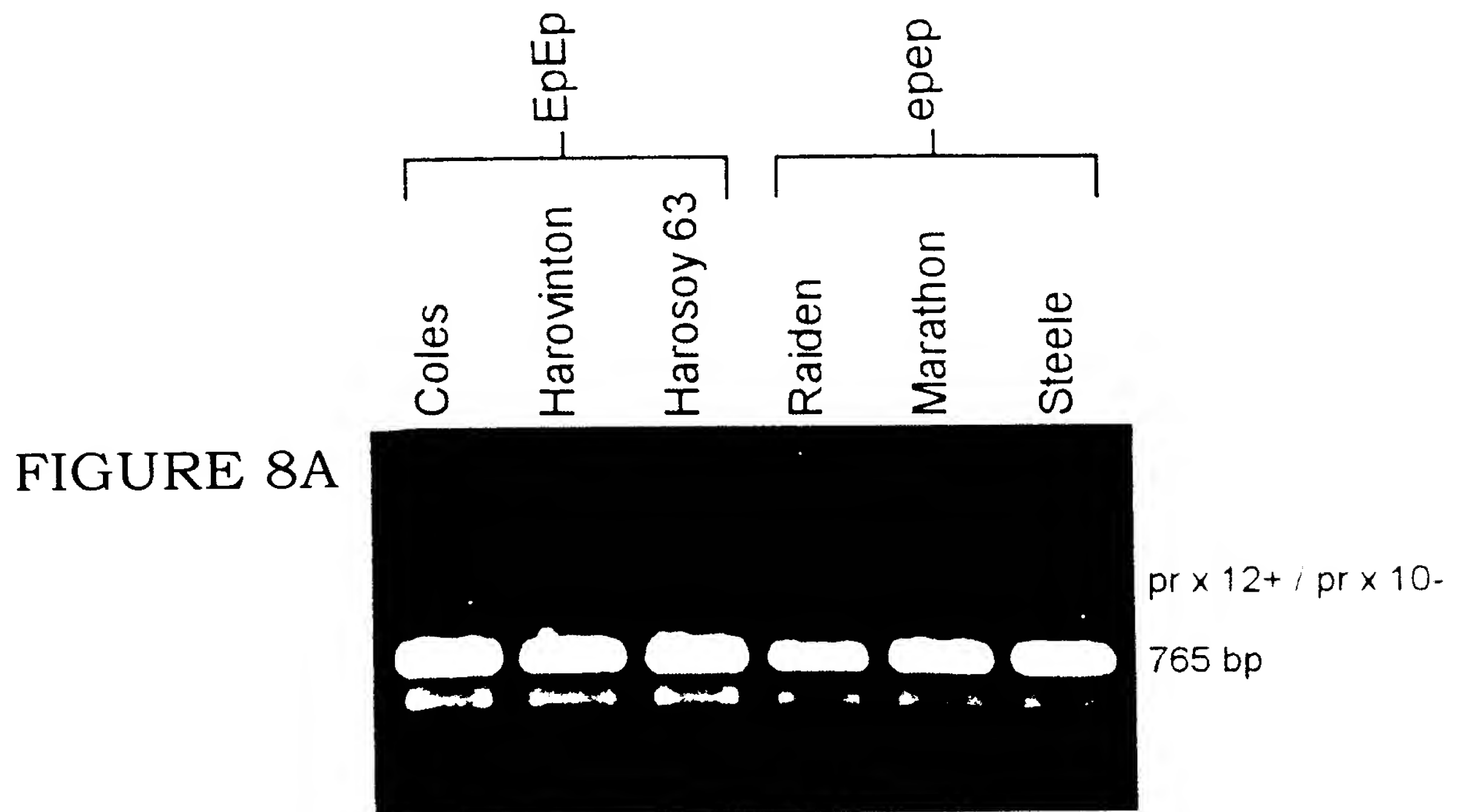




FIGURE 9A

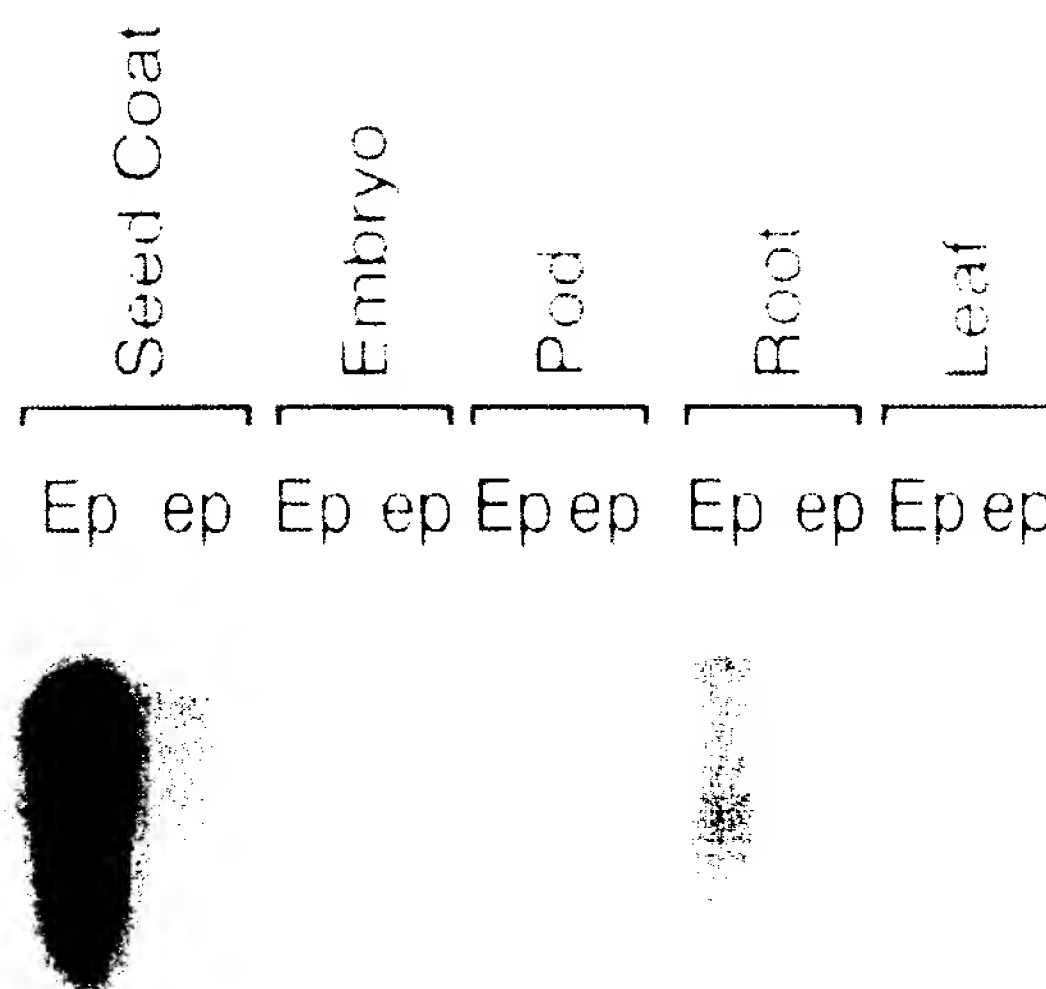


FIGURE 9B

